```
                GenCore version 5.1.4_p5_4578
           Copyright (c) 1993 - 2003  Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:         March 11, 2003, 07:22:43 ; Search time 152 Seconds
                                           (without alignments)
                                           14650.296 Million cell updates/sec

Title:          US-10-046-433-39
Perfect score:  3334
Sequence:       1 gcagaagcagcagccgcagc..........attaaaaaaaaaaaaaaaa 3334

Scoring table:  IDENTITY_NUC
                Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:       478924 seqs, 333959956 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      957848

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       Published_Applications_NA:*
               1:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US07_PUBCOMB.seq:*
               2:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/PCT_NEW_PUB.seq:*
               3:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US06_NEW_PUB.seq:*
               4:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US06_PUBCOMB.seq:*
               5:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US07_NEW_PUB.seq:*
               6:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/PCTUS_PUBCOMB.seq:*
               7:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US08_NEW_PUB.seq:*
               8:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US08_PUBCOMB.seq:*
               9:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09_NEW_PUB.seq:*
              10:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09_PUBCOMB.seq:*
              11:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10_NEW_PUB.seq:*
              12:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10_PUBCOMB.seq:*
              13:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US60_NEW_PUB.seq:*
              14:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US60_PUBCOMB.seq:*

     Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
     score greater than or equal to the score of the result being printed,
     and is derived by analysis of the total score distribution.

                              SUMMARIES
                     %
Result             Query
  No.    Score     Match Length DB  ID                        Description
-------------------------------------------------------------------------------
   1   3303.4    99.1    3501  9  US-10-028-072-37          Sequence 37, Appl
   2   3303.4    99.1    3501  9  US-10-121-049-37          Sequence 37, Appl
   3   3303.4    99.1    3501  9  US-10-123-904-37          Sequence 37, Appl
   4   3303.4    99.1    3501  9  US-10-140-470-37          Sequence 37, Appl
   5   3303.4    99.1    3501  9  US-10-175-746-37          Sequence 37, Appl
   6   3303.4    99.1    3501  9  US-10-176-918-37          Sequence 37, Appl
   7   3303.4    99.1    3501  9  US-10-176-921-37          Sequence 37, Appl
   8   3303.4    99.1    3501  9  US-10-137-865-37          Sequence 37, Appl
   9   3303.4    99.1    3501  9  US-10-140-474-37          Sequence 37, Appl
  10   3303.4    99.1    3501  9  US-10-142-431-37          Sequence 37, Appl
  11   3303.4    99.1    3501  9  US-10-143-114-37          Sequence 37, Appl
  12   3303.4    99.1    3501  9  US-10-140-002-37          Sequence 37, Appl
  13      551    16.5     625  9  US-09-925-299-209         Sequence 209, App
  14      551    16.5     625 10   US-09-925-299-209         Sequence 209, App
  15    537.6    16.1    1737  9  US-10-002-050-19          Sequence 19, Appl
  16    537.6    16.1    1737  9  US-10-002-304-19          Sequence 19, Appl
  17    537.6    16.1    1737 12   US-10-003-152-19          Sequence 19, Appl
c 18    424.4    12.7     426  9  US-09-736-457-913         Sequence 913, App
c 19    424.4    12.7     426  9  US-09-902-941-913         Sequence 913, App
c 20    424.4    12.7     426  9  US-09-849-626-913         Sequence 913, App
  21    419.8    12.6    1508  9  US-10-002-050-9           Sequence 9, Appli
  22    419.8    12.6    1508  9  US-10-002-304-9           Sequence 9, Appli
  23    419.8    12.6    1508 12   US-10-003-152-9           Sequence 9, Appli
  24      364    10.9     400 10   US-09-998-598-2567        Sequence 2567, Ap
c 25    284.4     8.5     466 10   US-09-815-343-754         Sequence 754, App
c 26    282.4     8.5     306 10   US-09-969-708-595         Sequence 595, App
  27    263.4     7.9     265  9  US-09-736-457-864         Sequence 864, App
  28    263.4     7.9     265  9  US-09-902-941-864         Sequence 864, App
  29    263.4     7.9     265  9  US-09-849-626-864         Sequence 864, App
c 30    189.6     5.7     231  9  US-10-076-622-45          Sequence 45, Appl
c 31    189.6     5.7     231 10   US-09-604-287A-45         Sequence 45, Appl
c 32    189.6     5.7     231 10   US-09-339-338-45          Sequence 45, Appl
c 33    189.6     5.7     231 12   US-10-007-805-45          Sequence 45, Appl
  34    130.8     3.9     160  9  US-10-076-622-44          Sequence 44, Appl
  35    130.8     3.9     160 10   US-09-604-287A-44         Sequence 44, Appl
  36    130.8     3.9     160 10   US-09-339-338-44          Sequence 44, Appl
  37    130.8     3.9     160 12   US-10-007-805-44          Sequence 44, Appl
  38    118.8     3.6     333 10   US-09-783-590-3589        Sequence 3589, Ap
  39    110.8     3.3     432 10   US-09-960-352-5091        Sequence 5091, Ap
  40     98.6     3.0     192  9  US-10-092-750-108         Sequence 108, App
  41     92.8     2.8      96  9  US-10-092-750-189         Sequence 189, App
c 42       89     2.7     244 10   US-09-864-761-22945       Sequence 22945, A
c 43     76.6     2.3     371 10   US-09-864-761-6225        Sequence 6225, Ap
c 44     71.4     2.1     196 10   US-09-864-761-30975       Sequence 30975, A
c 45     71.4     2.1     457 10   US-09-864-761-14419       Sequence 14419, A

                              ALIGNMENTS


RESULT 1
US-10-028-072-37
; Sequence 37, Application US/10028072
; Publication No. US20030004311A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Baker,Kevin P.
;  APPLICANT:  Beresini,Maureen
;  APPLICANT:  DeForge,Laura
;  APPLICANT:  Desnoyers,Luc
;  APPLICANT:  Filvaroff,Ellen
;  APPLICANT:  Gao,Wei-Qiang
;  APPLICANT:  Gerritsen,Mary E.
;  APPLICANT:  Goddard,Audrey
;  APPLICANT:  Godowski,Paul J.
;  APPLICANT:  Gurney,Austin L.
;  APPLICANT:  Sherwood,Steven
;  APPLICANT:  Smith,Victoria
;  APPLICANT:  Stewart,Timothy A.
;  APPLICANT:  Tumas,Daniel
;  APPLICANT:  Watanabe,Colin K
;  APPLICANT:  Wood,William
;  APPLICANT:  Zhang
;  TITLE OF INVENTION:
;  FILE REFERENCE:
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/028,072
;  CURRENT FILING DATE:  2001-12-19
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/049911
;  PRIOR FILING DATE: 1997-06-18
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/056974
;  PRIOR FILING DATE: 1997-08-26
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059113
;  PRIOR FILING DATE: 1997-09-17
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059115
;  PRIOR FILING DATE: 1997-09-17
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059117
;  PRIOR FILING DATE: 1997-09-17
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059122
;  PRIOR FILING DATE: 1997-09-17
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059184
;  PRIOR FILING DATE: 1997-09-17
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059263
;  PRIOR FILING DATE: 1997-09-18
```

```
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059352
;  PRIOR FILING DATE: 1997-09-19
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059588
;  PRIOR FILING DATE: 1997-09-19
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059836
;  PRIOR FILING DATE: 1997-09-24
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/062250
;  PRIOR FILING DATE: 1997-10-17
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/062285
;  PRIOR FILING DATE: 1997-10-17
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/062287
;  PRIOR FILING DATE: 1997-10-17
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/062814
;  PRIOR FILING DATE: 1997-10-24
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/062816
;  PRIOR FILING DATE: 1997-10-24
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063045
;  PRIOR FILING DATE: 1997-10-24
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063082
;  PRIOR FILING DATE: 1997-10-31
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063127
;  PRIOR FILING DATE: 1997-10-24
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063327
;  PRIOR FILING DATE: 1997-10-27
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063329
;  PRIOR FILING DATE: 1997-10-27
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063550
;  PRIOR FILING DATE: 1997-10-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063561
;  PRIOR FILING DATE: 1997-10-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063704
;  PRIOR FILING DATE: 1997-10-29
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063733
;  PRIOR FILING DATE: 1997-10-29
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063735
;  PRIOR FILING DATE: 1997-10-29
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063738
;  PRIOR FILING DATE: 1997-10-29
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/063755
;  PRIOR FILING DATE: 1997-10-17
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/064248
;  PRIOR FILING DATE: 1997-11-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/064809
;  PRIOR FILING DATE: 1997-11-07
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/065186
;  PRIOR FILING DATE: 1997-11-12
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/065846
;  PRIOR FILING DATE: 1997-11-17
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/066364
;  PRIOR FILING DATE: 1997-11-21
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/066453
;  PRIOR FILING DATE: 1997-11-24
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/066511
;  PRIOR FILING DATE: 1997-11-24
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/066770
;  PRIOR FILING DATE: 1997-11-24
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/069212
;  PRIOR FILING DATE: 1997-12-11
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/069278
;  PRIOR FILING DATE: 1997-12-11
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/069334
;  PRIOR FILING DATE: 1997-12-11
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/069694
;  PRIOR FILING DATE: 1997-12-16
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/072320
;  PRIOR FILING DATE: 1998-01-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/073612
;  PRIOR FILING DATE: 1998-02-04
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/074086
;  PRIOR FILING DATE: 1998-02-09
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/074092
;  PRIOR FILING DATE: 1998-02-09
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/077791
```

```
;  PRIOR FILING DATE: 1998-03-12
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/078910
;  PRIOR FILING DATE: 1998-03-20
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/079294
;  PRIOR FILING DATE: 1998-03-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/079663
;  PRIOR FILING DATE: 1998-02-27
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/079728
;  PRIOR FILING DATE: 1998-03-27
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/080165
;  PRIOR FILING DATE: 1998-03-31
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/081203
;  PRIOR FILING DATE: 1998-04-09
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/081229
;  PRIOR FILING DATE: 1998-04-09
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/081695
;  PRIOR FILING DATE: 1998-04-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/081817
;  PRIOR FILING DATE: 1998-04-15
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/081818
;  PRIOR FILING DATE: 1998-04-15
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/082999
;  PRIOR FILING DATE: 1998-04-24
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/083322
;  PRIOR FILING DATE: 1998-04-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/083545
;  PRIOR FILING DATE: 1998-04-29
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/084600
;  PRIOR FILING DATE: 1998-05-07
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/084627
;  PRIOR FILING DATE: 1998-05-07
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/084637
;  PRIOR FILING DATE: 1998-05-07
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/085149
;  PRIOR FILING DATE: 1998-05-12
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/085323
;  PRIOR FILING DATE: 1998-05-13
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/085338
;  PRIOR FILING DATE: 1998-05-13
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/085339
;  PRIOR FILING DATE: 1998-05-13
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/085579
;  PRIOR FILING DATE: 1998-05-15
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/085697
;  PRIOR FILING DATE: 1998-05-15
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/085704
;  PRIOR FILING DATE: 1998-05-15
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/086414
;  PRIOR FILING DATE: 1998-05-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/086430
;  PRIOR FILING DATE: 1998-05-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/087106
;  PRIOR FILING DATE: 1998-05-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/088026
;  PRIOR FILING DATE: 1998-06-04
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/088730
;  PRIOR FILING DATE: 1998-06-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/088741
;  PRIOR FILING DATE: 1998-06-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/088810
;  PRIOR FILING DATE: 1998-06-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/088858
;  PRIOR FILING DATE: 19/98-06-11
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/089532
;  PRIOR FILING DATE: 1998-06-17
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/089599
;  PRIOR FILING DATE: 1998-06-17
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/089907
;  PRIOR FILING DATE: 1998-06-18
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/089947
;  PRIOR FILING DATE: 1998-06-19
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/090349
;  PRIOR FILING DATE: 1998-06-23
```

```
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/090429
;  PRIOR FILING DATE: 1998-06-24
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/090445
;  PRIOR FILING DATE: 1998-06-24
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/090538
;  PRIOR FILING DATE: 1998-06-24
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/090863
;  PRIOR FILING DATE: 1998-06-26
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/091360
;  PRIOR FILING DATE: 1998-07-01
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/091519
;  PRIOR FILING DATE: 1998-07-02
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/091982
;  PRIOR FILING DATE: 1998-07-07

  Query Match             99.1%;  Score 3303.4;  DB 9;  Length 3501;
  Best Local Similarity   99.6%;  Pred. No. 0;
  Matches 3321;  Conservative    0;  Mismatches   13;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy      1 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     76 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 135

Qy     61 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGGGAAGAACTGAGAGGCGC 120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Db    136 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGAGAAGAACTGAGAGGCGC 195

Qy    121 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 255

Qy    181 ACGGGACCGGAGCTTCACGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 240
          ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    256 ACGGGACCGGAGCTTCATGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 315

Qy    241 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    316 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 375

Qy    301 CTGCCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 360
          ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    376 CTGTCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 435

Qy    361 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    436 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 495

Qy    421 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    496 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 555

Qy    481 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    556 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 615

Qy    541 CGGGGCGACTACATCGCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 600
          ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    616 CGGGGCGACTACATCGCCTCCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 675

Qy    601 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    676 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 735

Qy    661 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    736 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 795

Qy    721 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    796 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 855

Qy    781 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    856 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 915

Qy    841 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    916 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 975

Qy    901 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    976 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 1035

Qy    961 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1036 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1095

Qy   1021 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1096 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1155

Qy   1081 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1156 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1215

Qy   1141 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1216 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1275

Qy   1201 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1276 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1335

Qy   1261 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1336 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1395

Qy   1321 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1396 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1455

Qy   1381 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1456 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1515

Qy   1441 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1516 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1575

Qy   1501 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1576 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1635

Qy   1561 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1636 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1695

Qy   1621 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1696 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1755

Qy   1681 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1756 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1815

Qy   1741 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1816 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1875

Qy   1801 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1876 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1935

Qy   1861 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1936 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1995
```

```
Qy   1921 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1996 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 2055

Qy   1981 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2056 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2115

Qy   2041 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2116 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2175

Qy   2101 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2176 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2235

Qy   2161 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2236 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2295

Qy   2221 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2355

Qy   2281 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2356 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2415

Qy   2341 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2416 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2475

Qy   2401 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2476 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2535

Qy   2461 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2536 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2595

Qy   2521 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2596 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2655

Qy   2581 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2656 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2715

Qy   2641 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGAAGACTACTTACGTG 2700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db   2716 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGANGACTACTTACGTG 2775

Qy   2701 TGGCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2760
          || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2776 TGNCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2835

Qy   2761 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2836 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2895

Qy   2821 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2896 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2955

Qy   2881 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2956 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 3015

Qy   2941 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAA-TCACTC 2999
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Db   3016 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAAGTCACTT 3075

Qy   3000 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3059
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3076 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3135

Qy   3060 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3119
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3136 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3195

Qy   3120 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3179
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3196 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3255

Qy   3180 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3239
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3256 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3315

Qy   3240 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3299
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3316 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3375

Qy   3300 ACACTTTGTTTGTAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAA 3334
          ||| ||| |||  |||  |||||||||||||||||
Db   3376 ACATTTTTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 3410
```

```
RESULT 2
US-10-121-049-37
; Sequence 37, Application US/10121049
; Publication No. US20030022239A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Baker,Kevin P.
;  APPLICANT:  Beresini,Maureen
;  APPLICANT:  DeForge,Laura
;  APPLICANT:  Desnoyers,Luc
;  APPLICANT:  Filvaroff,Ellen
;  APPLICANT:  Gao,Wei-Qiang
;  APPLICANT:  Gerritsen,Mary E.
;  APPLICANT:  Goddard,Audrey
;  APPLICANT:  Godowski,Paul J.
;  APPLICANT:  Gurney,Austin L.
;  APPLICANT:  Sherwood,Steven
;  APPLICANT:  Smith,Victoria
;  APPLICANT:  Stewart,Timothy A.
;  APPLICANT:  Tumas,Daniel
;  APPLICANT:  Watanabe,Colin K
;  APPLICANT:  Wood,William
;  APPLICANT:  Zhang, Zemin
;  TITLE OF INVENTION: SECRETED AND TRANSMEMBRANE POLYPEPTIDES AND NUCLEIC
;  TITLE OF INVENTION:  ACIDS ENCODING THE SAME
;  FILE REFERENCE: P3330R1C17
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/121,049
;  CURRENT FILING DATE:  2002-04-12
;       Prior Application removed - See File Wrapper or Palm
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 550
; SEQ ID NO 37
;   LENGTH: 3501
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapien
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: unsure
;   LOCATION: 2762, 2778
;   OTHER INFORMATION: unknown base
US-10-121-049-37

  Query Match             99.1%;  Score 3303.4;  DB 9;  Length 3501;
  Best Local Similarity   99.6%;  Pred. No. 0;
  Matches 3321;  Conservative    0;  Mismatches   13;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy      1 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     76 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 135

Qy     61 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGGGAAGAACTGAGAGGCGC 120
```

```
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Db    136 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGAGAAGAACTGAGAGGCGC 195

Qy    121 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 255

Qy    181 ACGGGACCGGAGCTTCACGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 240
          ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    256 ACGGGACCGGAGCTTCATGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 315

Qy    241 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    316 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 375

Qy    301 CTGCCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 360
          ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    376 CTGTCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 435

Qy    361 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    436 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 495

Qy    421 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    496 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 555

Qy    481 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    556 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 615

Qy    541 CGGGGCGACTACATCGCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 600
          ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    616 CGGGGCGACTACATCGCCTCCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 675

Qy    601 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    676 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 735

Qy    661 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    736 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 795

Qy    721 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    796 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 855

Qy    781 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    856 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 915

Qy    841 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    916 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 975

Qy    901 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    976 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 1035

Qy    961 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1036 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1095

Qy   1021 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1096 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1155

Qy   1081 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1156 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1215

Qy   1141 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1216 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1275

Qy   1201 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1276 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1335

Qy   1261 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1336 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1395

Qy   1321 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1396 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1455

Qy   1381 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1456 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1515

Qy   1441 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1516 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1575

Qy   1501 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1576 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1635

Qy   1561 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1636 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1695

Qy   1621 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1696 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1755

Qy   1681 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1756 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1815

Qy   1741 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1816 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1875

Qy   1801 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1876 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1935

Qy   1861 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1936 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1995

Qy   1921 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1996 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 2055

Qy   1981 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2056 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2115

Qy   2041 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2116 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2175

Qy   2101 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2176 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2235

Qy   2161 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2236 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2295

Qy   2221 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2355
```

```
Qy   2281 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2356 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2415

Qy   2341 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2416 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2475

Qy   2401 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2476 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2535

Qy   2461 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2536 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2595

Qy   2521 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2596 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2655

Qy   2581 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2656 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2715

Qy   2641 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGAAGACTACTTACGTG 2700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db   2716 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGANGACTACTTACGTG 2775

Qy   2701 TGGCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2760
          || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2776 TGNCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2835

Qy   2761 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2836 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2895

Qy   2821 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2896 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2955

Qy   2881 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2956 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 3015

Qy   2941 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAA-TCACTC 2999
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Db   3016 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAAGTCACTT 3075

Qy   3000 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3059
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3076 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3135

Qy   3060 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3119
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3136 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3195

Qy   3120 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3179
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3196 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3255

Qy   3180 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3239
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3256 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3315

Qy   3240 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3299
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3316 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3375

Qy   3300 ACACTTTGTTTGTAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAA 3334
          ||| ||| |||  |||  |||||||||||||||||
Db   3376 ACATTTTTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 3410
```

```
RESULT 3
US-10-123-904-37
; Sequence 37, Application US/10123904
; Publication No. US20030022328A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Baker,Kevin P.
;  APPLICANT:  Beresini,Maureen
;  APPLICANT:  DeForge,Laura
;  APPLICANT:  Desnoyers,Luc
;  APPLICANT:  Filvaroff,Ellen
;  APPLICANT:  Gao,Wei-Qiang
;  APPLICANT:  Gerritsen,Mary E.
;  APPLICANT:  Goddard,Audrey
;  APPLICANT:  Godowski,Paul J.
;  APPLICANT:  Gurney,Austin L.
;  APPLICANT:  Sherwood,Steven
;  APPLICANT:  Smith,Victoria
;  APPLICANT:  Stewart,Timothy A.
;  APPLICANT:  Tumas,Daniel
;  APPLICANT:  Watanabe,Colin K
;  APPLICANT:  Wood,William
;  APPLICANT:  Zhang, Zemin
;  TITLE OF INVENTION: SECRETED AND TRANSMEMBRANE POLYPEPTIDES AND NUCLEIC
;  TITLE OF INVENTION:  ACIDS ENCODING THE SAME
;  FILE REFERENCE: P3330R1C54
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/123,904
;  CURRENT FILING DATE:  2002-04-16
;  Prior Application removed - See File Wrapper or Palm
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 550
; SEQ ID NO 37
;   LENGTH: 3501
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapien
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: unsure
;   LOCATION: 2762, 2778
;   OTHER INFORMATION: unknown base
US-10-123-904-37

  Query Match             99.1%;  Score 3303.4;  DB 9;  Length 3501;
  Best Local Similarity   99.6%;  Pred. No. 0;
  Matches 3321;  Conservative    0;  Mismatches   13;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy      1 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     76 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 135

Qy     61 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGGGAAGAACTGAGAGGCGC 120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Db    136 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGAGAAGAACTGAGAGGCGC 195

Qy    121 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 255

Qy    181 ACGGGACCGGAGCTTCACGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 240
          ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    256 ACGGGACCGGAGCTTCATGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 315

Qy    241 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    316 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 375

Qy    301 CTGCCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 360
          ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    376 CTGTCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 435

Qy    361 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    436 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 495

Qy    421 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 480
```

```
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     496 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 555

Qy     481 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     556 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 615

Qy     541 CGGGGCGACTACATCGCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 600
           ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     616 CGGGGCGACTACATCGCCTCCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 675

Qy     601 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     676 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 735

Qy     661 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     736 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 795

Qy     721 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     796 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 855

Qy     781 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     856 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 915

Qy     841 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     916 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 975

Qy     901 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     976 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 1035

Qy     961 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1036 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1095

Qy    1021 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1096 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1155

Qy    1081 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1156 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1215

Qy    1141 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1216 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1275

Qy    1201 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1276 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1335

Qy    1261 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1336 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1395

Qy    1321 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1396 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1455

Qy    1381 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1456 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1515

Qy    1441 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1516 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1575

Qy    1501 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1576 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1635

Qy    1561 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1636 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1695

Qy    1621 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1696 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1755

Qy    1681 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1756 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1815

Qy    1741 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1816 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1875

Qy    1801 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1876 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1935

Qy    1861 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1936 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1995

Qy    1921 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 1980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1996 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 2055

Qy    1981 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2056 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2115

Qy    2041 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2116 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2175

Qy    2101 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2176 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2235

Qy    2161 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2236 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2295

Qy    2221 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2355

Qy    2281 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2356 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2415

Qy    2341 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2416 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2475

Qy    2401 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2476 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2535

Qy    2461 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2536 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2595

Qy    2521 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2596 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2655

Qy    2581 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2656 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2715
```

```
Qy       2641 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGAAGACTACTTACGTG 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Db       2716 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGANGACTACTTACGTG 2775

Qy       2701 TGGCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2760
              || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2776 TGNCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2835

Qy       2761 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2836 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2895

Qy       2821 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2896 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2955

Qy       2881 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2956 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 3015

Qy       2941 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAA-TCACTC 2999
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||| 
Db       3016 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAAGTCACTT 3075

Qy       3000 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3059
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3076 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3135

Qy       3060 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3119
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3136 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3195

Qy       3120 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3179
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3196 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3255

Qy       3180 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3239
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3256 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3315

Qy       3240 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3299
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3316 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3375

Qy       3300 ACACTTTGTTTGTAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAA 3334
              ||| ||| |||  |||  |||||||||||||||||
Db       3376 ACATTTTTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 3410


RESULT 4
US-10-140-470-37
; Sequence 37, Application US/10140470
; Publication No. US20030022331A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Baker,Kevin P.
;  APPLICANT:  Beresini,Maureen
;  APPLICANT:  DeForge,Laura
;  APPLICANT:  Desnoyers,Luc
;  APPLICANT:  Filvaroff,Ellen
;  APPLICANT:  Gao,Wei-Qiang
;  APPLICANT:  Gerritsen,Mary E.
;  APPLICANT:  Goddard,Audrey
;  APPLICANT:  Godowski,Paul J.
;  APPLICANT:  Gurney,Austin L.
;  APPLICANT:  Sherwood,Steven
;  APPLICANT:  Smith,Victoria
;  APPLICANT:  Stewart,Timothy A.
;  APPLICANT:  Tumas,Daniel
;  APPLICANT:  Watanabe,Colin K
;  APPLICANT:  Wood,William
;  APPLICANT:  Zhang, Zemin
;  TITLE OF INVENTION: SECRETED AND TRANSMEMBRANE POLYPEPTIDES AND NUCLEIC
;  TITLE OF INVENTION:  ACIDS ENCODING THE SAME
;  FILE REFERENCE: P3330R1C160
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/140,470
;  CURRENT FILING DATE:  2002-05-06
;  Prior Application removed - See Palm or File Wrapper
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 550
; SEQ ID NO 37
;   LENGTH: 3501
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapien
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: unsure
;   LOCATION: 2762, 2778
;   OTHER INFORMATION: unknown base
US-10-140-470-37

  Query Match             99.1%;  Score 3303.4;  DB 9;  Length 3501;
  Best Local Similarity   99.6%;  Pred. No. 0;
  Matches 3321;  Conservative    0;  Mismatches   13;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         76 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 135

Qy         61 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGGGAAGAACTGAGAGGCGC 120
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Db        136 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGAGAAGAACTGAGAGGCGC 195

Qy        121 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        196 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 255

Qy        181 ACGGGACCGGAGCTTCACGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 240
              ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        256 ACGGGACCGGAGCTTCATGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 315

Qy        241 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        316 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 375

Qy        301 CTGCCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 360
              ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        376 CTGTCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 435

Qy        361 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        436 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 495

Qy        421 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        496 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 555

Qy        481 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        556 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 615

Qy        541 CGGGGCGACTACATCGCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 600
              ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        616 CGGGGCGACTACATCGCCTCCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 675

Qy        601 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        676 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 735

Qy        661 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        736 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 795

Qy        721 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        796 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 855

Qy        781 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 840
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      856 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 915

Qy      841 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      916 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 975

Qy      901 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      976 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 1035

Qy      961 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1036 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1095

Qy     1021 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1096 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1155

Qy     1081 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1156 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1215

Qy     1141 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1216 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1275

Qy     1201 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1276 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1335

Qy     1261 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1336 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1395

Qy     1321 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1396 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1455

Qy     1381 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1456 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1515

Qy     1441 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1516 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1575

Qy     1501 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1576 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1635

Qy     1561 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1636 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1695

Qy     1621 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1696 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1755

Qy     1681 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1756 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1815

Qy     1741 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1816 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1875

Qy     1801 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1876 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1935

Qy     1861 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db     1936 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1995

Qy     1921 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 1980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1996 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 2055

Qy     1981 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2056 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2115

Qy     2041 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2100
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2116 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2175

Qy     2101 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2176 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2235

Qy     2161 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2236 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2295

Qy     2221 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2355

Qy     2281 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2356 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2415

Qy     2341 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2416 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2475

Qy     2401 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2476 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2535

Qy     2461 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2536 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2595

Qy     2521 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2596 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2655

Qy     2581 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2640
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2656 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2715

Qy     2641 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGAAGACTACTTACGTG 2700
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db     2716 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGANGACTACTTACGTG 2775

Qy     2701 TGGCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2760
            || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2776 TGNCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2835

Qy     2761 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2820
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2836 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2895

Qy     2821 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2880
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2896 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2955

Qy     2881 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 2940
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2956 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 3015

Qy     2941 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAA-TCACTC 2999
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Db     3016 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAAGTCACTT 3075
```

```
Qy   3000 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3059
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3076 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3135

Qy   3060 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3119
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3136 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3195

Qy   3120 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3179
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3196 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3255

Qy   3180 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3239
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3256 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3315

Qy   3240 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3299
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3316 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3375

Qy   3300 ACACTTTGTTTGTAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAA 3334
          ||| ||| |||  |||  |||||||||||||||||
Db   3376 ACATTTTTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 3410

RESULT 5
US-10-175-746-37
; Sequence 37, Application US/10175746
; Publication No. US20030027270A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Baker,Kevin P.
;  APPLICANT:  Beresini,Maureen
;  APPLICANT:  DeForge,Laura
;  APPLICANT:  Desnoyers,Luc
;  APPLICANT:  Filvaroff,Ellen
;  APPLICANT:  Gao,Wei-Qiang
;  APPLICANT:  Gerritsen,Mary E.
;  APPLICANT:  Goddard,Audrey
;  APPLICANT:  Godowski,Paul J.
;  APPLICANT:  Gurney,Austin L.
;  APPLICANT:  Sherwood,Steven
;  APPLICANT:  Smith,Victoria
;  APPLICANT:  Stewart,Timothy A.
;  APPLICANT:  Tumas,Daniel
;  APPLICANT:  Watanabe,Colin K
;  APPLICANT:  Wood,William
;  APPLICANT:  Zhang, Zemin
;  TITLE OF INVENTION: SECRETED AND TRANSMEMBRANE POLYPEPTIDES AND NUCLEIC
;  TITLE OF INVENTION:  ACIDS ENCODING THE SAME
;  FILE REFERENCE: P3330R1C353
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/175,746
;  CURRENT FILING DATE:  2002-06-19
;  Prior Application removed - See File Wrapper or Palm
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 550
; SEQ ID NO 37
;   LENGTH: 3501
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapien
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: unsure
;   LOCATION: 2762, 2778
;   OTHER INFORMATION: unknown base
US-10-175-746-37

  Query Match             99.1%;  Score 3303.4;  DB 9;  Length 3501;
  Best Local Similarity   99.6%;  Pred. No. 0;
  Matches 3321;  Conservative    0;  Mismatches   13;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy      1 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     76 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 135

Qy     61 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGGGAAGAACTGAGAGGCGC 120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Db    136 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGAGAAGAACTGAGAGGCGC 195

Qy    121 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 255

Qy    181 ACGGGACCGGAGCTTCACGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 240
          ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    256 ACGGGACCGGAGCTTCATGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 315

Qy    241 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    316 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 375

Qy    301 CTGCCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 360
          ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    376 CTGTCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 435

Qy    361 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    436 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 495

Qy    421 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    496 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 555

Qy    481 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    556 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 615

Qy    541 CGGGGCGACTACATCGCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 600
          ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    616 CGGGGCGACTACATCGCCTCCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 675

Qy    601 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    676 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 735

Qy    661 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    736 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 795

Qy    721 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    796 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 855

Qy    781 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    856 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 915

Qy    841 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    916 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 975

Qy    901 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    976 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 1035

Qy    961 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1036 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1095

Qy   1021 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1096 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1155

Qy   1081 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1156 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1215

Qy   1141 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1200
```

```
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1216 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1275

Qy    1201 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1276 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1335

Qy    1261 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1336 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1395

Qy    1321 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1396 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1455

Qy    1381 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1456 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1515

Qy    1441 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1516 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1575

Qy    1501 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1576 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1635

Qy    1561 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1636 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1695

Qy    1621 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1696 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1755

Qy    1681 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1756 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1815

Qy    1741 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1816 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1875

Qy    1801 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1876 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1935

Qy    1861 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1936 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1995

Qy    1921 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 1980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1996 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 2055

Qy    1981 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2056 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2115

Qy    2041 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2116 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2175

Qy    2101 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2176 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2235

Qy    2161 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2236 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2295

Qy    2221 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2355

Qy    2281 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2356 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2415

Qy    2341 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2416 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2475

Qy    2401 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2476 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2535

Qy    2461 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2536 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2595

Qy    2521 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2596 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2655

Qy    2581 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2656 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2715

Qy    2641 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGAAGACTACTTACGTG 2700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Db    2716 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGANGACTACTTACGTG 2775

Qy    2701 TGGCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2760
           || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2776 TGNCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2835

Qy    2761 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2836 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2895

Qy    2821 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2896 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2955

Qy    2881 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 2940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2956 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 3015

Qy    2941 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAA-TCACTC 2999
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Db    3016 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAAGTCACTT 3075

Qy    3000 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3059
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3076 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3135

Qy    3060 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3119
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3136 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3195

Qy    3120 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3179
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3196 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3255

Qy    3180 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3239
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3256 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3315

Qy    3240 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3299
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3316 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3375

Qy    3300 ACACTTTGTTTGTAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAA 3334
           ||| ||| |||  |||  |||||||||||||||||
Db    3376 ACATTTTTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 3410
```

```
RESULT 6
US-10-176-918-37
; Sequence 37, Application US/10176918
; Publication No. US20030027275A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Baker,Kevin P.
;  APPLICANT:  Beresini,Maureen
;  APPLICANT:  DeForge,Laura
;  APPLICANT:  Desnoyers,Luc
;  APPLICANT:  Filvaroff,Ellen
;  APPLICANT:  Gao,Wei-Qiang
;  APPLICANT:  Gerritsen,Mary E.
;  APPLICANT:  Goddard,Audrey
;  APPLICANT:  Godowski,Paul J.
;  APPLICANT:  Gurney,Austin L.
;  APPLICANT:  Sherwood,Steven
;  APPLICANT:  Smith,Victoria
;  APPLICANT:  Stewart,Timothy A.
;  APPLICANT:  Tumas,Daniel
;  APPLICANT:  Watanabe,Colin K
;  APPLICANT:  Wood,William
;  APPLICANT:  Zhang, Zemin
;  TITLE OF INVENTION: SECRETED AND TRANSMEMBRANE POLYPEPTIDES AND NUCLEIC
;  TITLE OF INVENTION:  ACIDS ENCODING THE SAME
;  FILE REFERENCE: P3330R1C382
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/176,918
;  CURRENT FILING DATE:  2002-06-20
;     Prior Application removed - See File Wrapper or Palm
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 550
; SEQ ID NO 37
;   LENGTH: 3501
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapien
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: unsure
;   LOCATION: 2762, 2778
;   OTHER INFORMATION: unknown base
US-10-176-918-37

  Query Match             99.1%;  Score 3303.4;  DB 9;  Length 3501;
  Best Local Similarity   99.6%;  Pred. No. 0;
  Matches 3321;  Conservative    0;  Mismatches   13;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         76 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 135

Qy         61 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGGGAAGAACTGAGAGGCGC 120
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Db        136 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGAGAAGAACTGAGAGGCGC 195

Qy        121 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        196 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 255

Qy        181 ACGGGACCGGAGCTTCACGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 240
              ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        256 ACGGGACCGGAGCTTCATGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 315

Qy        241 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        316 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 375

Qy        301 CTGCCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 360
              ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        376 CTGTCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 435

Qy        361 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        436 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 495

Qy        421 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        496 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 555

Qy        481 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        556 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 615

Qy        541 CGGGGCGACTACATCGCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 600
              ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        616 CGGGGCGACTACATCGCCTCCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 675

Qy        601 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        676 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 735

Qy        661 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        736 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 795

Qy        721 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        796 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 855

Qy        781 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        856 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 915

Qy        841 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        916 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 975

Qy        901 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        976 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 1035

Qy        961 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1036 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1095

Qy       1021 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1096 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1155

Qy       1081 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1156 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1215

Qy       1141 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1216 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1275

Qy       1201 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1276 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1335

Qy       1261 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1336 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1395

Qy       1321 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1396 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1455

Qy       1381 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1456 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1515

Qy       1441 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1516 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1575

Qy       1501 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1560
```

```
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1576 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1635

Qy   1561 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1636 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1695

Qy   1621 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1696 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1755

Qy   1681 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1756 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1815

Qy   1741 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1816 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1875

Qy   1801 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1876 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1935

Qy   1861 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1936 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1995

Qy   1921 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1996 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 2055

Qy   1981 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2056 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2115

Qy   2041 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2116 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2175

Qy   2101 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2176 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2235

Qy   2161 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2236 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2295

Qy   2221 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2355

Qy   2281 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2356 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2415

Qy   2341 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2416 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2475

Qy   2401 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2476 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2535

Qy   2461 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2536 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2595

Qy   2521 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2596 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2655

Qy   2581 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   2656 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2715

Qy   2641 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGAAGACTACTTACGTG 2700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db   2716 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGANGACTACTTACGTG 2775

Qy   2701 TGGCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2760
          || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2776 TGNCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2835

Qy   2761 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2836 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2895

Qy   2821 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2896 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2955

Qy   2881 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2956 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 3015

Qy   2941 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAA-TCACTC 2999
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||| 
Db   3016 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAAGTCACTT 3075

Qy   3000 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3059
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3076 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3135

Qy   3060 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3119
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3136 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3195

Qy   3120 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3179
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3196 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3255

Qy   3180 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3239
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3256 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3315

Qy   3240 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3299
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3316 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3375

Qy   3300 ACACTTTGTTTGTAATTAAAAAAAAAAAAAAAAA 3334
          ||| ||| |||  |||  |||||||||||||||||
Db   3376 ACATTTTTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 3410


RESULT 7
US-10-176-921-37
; Sequence 37, Application US/10176921
; Publication No. US20030027276A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Baker,Kevin P.
;  APPLICANT:  Beresini,Maureen
;  APPLICANT:  DeForge,Laura
;  APPLICANT:  Desnoyers,Luc
;  APPLICANT:  Filvaroff,Ellen
;  APPLICANT:  Gao,Wei-Qiang
;  APPLICANT:  Gerritsen,Mary E.
;  APPLICANT:  Goddard,Audrey
;  APPLICANT:  Godowski,Paul J.
;  APPLICANT:  Gurney,Austin L.
;  APPLICANT:  Sherwood,Steven
;  APPLICANT:  Smith,Victoria
;  APPLICANT:  Stewart,Timothy A.
;  APPLICANT:  Tumas,Daniel
;  APPLICANT:  Watanabe,Colin K
;  APPLICANT:  Wood,William
;  APPLICANT:  Zhang, Zemin
```

```
;  TITLE OF INVENTION: SECRETED AND TRANSMEMBRANE POLYPEPTIDES AND NUCLEIC
;  TITLE OF INVENTION:  ACIDS ENCODING THE SAME
;  FILE REFERENCE: P3330R1C288
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/176,921
;  CURRENT FILING DATE:  2002-06-20
;  Prior Application removed - See File Wrapper or Palm
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 550
; SEQ ID NO 37
;   LENGTH: 3501
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapien
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: unsure
;   LOCATION: 2762, 2778
;   OTHER INFORMATION: unknown base
US-10-176-921-37

  Query Match             99.1%;  Score 3303.4;  DB 9;  Length 3501;
  Best Local Similarity   99.6%;  Pred. No. 0;
  Matches 3321;  Conservative    0;  Mismatches   13;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         76 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 135

Qy         61 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGGGAAGAACTGAGAGGCGC 120
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Db        136 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGAGAAGAACTGAGAGGCGC 195

Qy        121 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        196 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 255

Qy        181 ACGGGACCGGAGCTTCACGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 240
              |||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        256 ACGGGACCGGAGCTTCATGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 315

Qy        241 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        316 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 375

Qy        301 CTGCCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 360
              ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        376 CTGTCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 435

Qy        361 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        436 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 495

Qy        421 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        496 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 555

Qy        481 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        556 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 615

Qy        541 CGGGGCGACTACATCGCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 600
              ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        616 CGGGGCGACTACATCGCCTCCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 675

Qy        601 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        676 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 735

Qy        661 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        736 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 795

Qy        721 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        796 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 855
```

```
Qy        781 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        856 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 915

Qy        841 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        916 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 975

Qy        901 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        976 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 1035

Qy        961 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1036 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1095

Qy       1021 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1096 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1155

Qy       1081 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1156 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1215

Qy       1141 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1216 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1275

Qy       1201 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1276 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1335

Qy       1261 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1336 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1395

Qy       1321 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1396 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1455

Qy       1381 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1456 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1515

Qy       1441 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1516 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1575

Qy       1501 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1576 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1635

Qy       1561 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1636 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1695

Qy       1621 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1696 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1755

Qy       1681 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1756 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1815

Qy       1741 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1816 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1875

Qy       1801 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1876 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1935

Qy       1861 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1920
```

```
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1936 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1995

Qy   1921 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1996 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 2055

Qy   1981 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2056 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2115

Qy   2041 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2116 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2175

Qy   2101 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2176 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2235

Qy   2161 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2236 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2295

Qy   2221 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2355

Qy   2281 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2356 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2415

Qy   2341 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2416 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2475

Qy   2401 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2476 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2535

Qy   2461 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2536 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2595

Qy   2521 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2596 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2655

Qy   2581 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2656 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2715

Qy   2641 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGAAGACTACTTACGTG 2700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db   2716 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGANGACTACTTACGTG 2775

Qy   2701 TGGCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2760
          || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2776 TGNCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2835

Qy   2761 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2836 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2895

Qy   2821 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2896 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2955

Qy   2881 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2956 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 3015

Qy   2941 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAA-TCACTC 2999
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Db   3016 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAAGTCACTT 3075

Qy   3000 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3059
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3076 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3135

Qy   3060 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3119
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3136 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3195

Qy   3120 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3179
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3196 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3255

Qy   3180 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3239
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3256 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3315

Qy   3240 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3299
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3316 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3375

Qy   3300 ACACTTTGTTTGTAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAA 3334
          ||| ||| |||  |||  |||||||||||||||||
Db   3376 ACATTTTTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 3410


RESULT 8
US-10-137-865-37
; Sequence 37, Application US/10137865
; Publication No. US20030032155A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Baker,Kevin P.
;  APPLICANT:  Beresini,Maureen
;  APPLICANT:  DeForge,Laura
;  APPLICANT:  Desnoyers,Luc
;  APPLICANT:  Filvaroff,Ellen
;  APPLICANT:  Gao,Wei-Qiang
;  APPLICANT:  Gerritsen,Mary E.
;  APPLICANT:  Goddard,Audrey
;  APPLICANT:  Godowski,Paul J.
;  APPLICANT:  Gurney,Austin L.
;  APPLICANT:  Sherwood,Steven
;  APPLICANT:  Smith,Victoria
;  APPLICANT:  Stewart,Timothy A.
;  APPLICANT:  Tumas,Daniel
;  APPLICANT:  Watanabe,Colin K
;  APPLICANT:  Wood,William
;  APPLICANT:  Zhang, Zemin
;  TITLE OF INVENTION: SECRETED AND TRANSMEMBRANE POLYPEPTIDES AND NUCLEIC
;  TITLE OF INVENTION:  ACIDS ENCODING THE SAME
;  FILE REFERENCE: P3330R1C154
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/137,865
;  CURRENT FILING DATE:  2002-05-03
;  Prior Application removed - See Palm or File Wrapper
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 550
; SEQ ID NO 37
;   LENGTH: 3501
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapien
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: unsure
;   LOCATION: 2762, 2778
;   OTHER INFORMATION: unknown base
US-10-137-865-37

  Query Match             99.1%;  Score 3303.4;  DB 9;  Length 3501;
  Best Local Similarity   99.6%;  Pred. No. 0;
  Matches 3321;  Conservative    0;  Mismatches   13;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy      1 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     76 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 135
```

```
Qy     61 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGGGAAGAACTGAGAGGCGC 120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Db    136 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGAGAAGAACTGAGAGGCGC 195

Qy    121 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 255

Qy    181 ACGGGACCGGAGCTTCACGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 240
          ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    256 ACGGGACCGGAGCTTCATGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 315

Qy    241 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    316 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 375

Qy    301 CTGCCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 360
          ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    376 CTGTCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 435

Qy    361 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    436 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 495

Qy    421 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    496 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 555

Qy    481 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    556 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 615

Qy    541 CGGGGCGACTACATCGCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 600
          ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    616 CGGGGCGACTACATCGCCTCCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 675

Qy    601 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    676 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 735

Qy    661 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    736 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 795

Qy    721 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    796 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 855

Qy    781 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    856 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 915

Qy    841 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    916 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 975

Qy    901 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    976 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 1035

Qy    961 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1036 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1095

Qy   1021 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1096 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1155

Qy   1081 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1156 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1215

Qy   1141 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1216 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1275

Qy   1201 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1276 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1335

Qy   1261 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1336 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1395

Qy   1321 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1396 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1455

Qy   1381 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1456 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1515

Qy   1441 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1516 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1575

Qy   1501 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1576 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1635

Qy   1561 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1636 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1695

Qy   1621 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1696 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1755

Qy   1681 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1756 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1815

Qy   1741 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1816 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1875

Qy   1801 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1876 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1935

Qy   1861 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1936 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1995

Qy   1921 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1996 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 2055

Qy   1981 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2056 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2115

Qy   2041 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2116 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2175

Qy   2101 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2176 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2235

Qy   2161 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2236 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2295

Qy   2221 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2280
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2355

Qy       2281 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2356 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2415

Qy       2341 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2416 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2475

Qy       2401 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2476 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2535

Qy       2461 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2536 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2595

Qy       2521 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2596 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2655

Qy       2581 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2656 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2715

Qy       2641 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGAAGACTACTTACGTG 2700
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db       2716 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGANGACTACTTACGTG 2775

Qy       2701 TGGCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2760
              || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2776 TGNCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2835

Qy       2761 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2836 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2895

Qy       2821 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2896 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2955

Qy       2881 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2956 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 3015

Qy       2941 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAA-TCACTC 2999
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||| 
Db       3016 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAAGTCACTT 3075

Qy       3000 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3059
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3076 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3135

Qy       3060 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3119
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3136 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3195

Qy       3120 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3179
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3196 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3255

Qy       3180 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3239
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3256 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3315

Qy       3240 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3299
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3316 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3375

Qy       3300 ACACTTTGTTTGTAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAA 3334
              ||| ||| |||  |||  |||||||||||||||||
Db       3376 ACATTTTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 3410


RESULT 9
US-10-140-474-37
; Sequence 37, Application US/10140474
; Publication No. US20030032156A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Baker,Kevin P.
;  APPLICANT:  Beresini,Maureen
;  APPLICANT:  DeForge,Laura
;  APPLICANT:  Desnoyers,Luc
;  APPLICANT:  Filvaroff,Ellen
;  APPLICANT:  Gao,Wei-Qiang
;  APPLICANT:  Gerritsen,Mary E.
;  APPLICANT:  Goddard,Audrey
;  APPLICANT:  Godowski,Paul J.
;  APPLICANT:  Gurney,Austin L.
;  APPLICANT:  Sherwood,Steven
;  APPLICANT:  Smith,Victoria
;  APPLICANT:  Stewart,Timothy A.
;  APPLICANT:  Tumas,Daniel
;  APPLICANT:  Watanabe,Colin K
;  APPLICANT:  Wood,William
;  APPLICANT:  Zhang, Zemin
;  TITLE OF INVENTION: SECRETED AND TRANSMEMBRANE POLYPEPTIDES AND NUCLEIC
;  TITLE OF INVENTION:  ACIDS ENCODING THE SAME
;  FILE REFERENCE: P3330R1C162
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/140,474
;  CURRENT FILING DATE:  2002-05-06
;  Prior Application removed - See Palm or File Wrapper
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 550
; SEQ ID NO 37
;   LENGTH: 3501
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapien
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: unsure
;   LOCATION: 2762, 2778
;   OTHER INFORMATION: unknown base
US-10-140-474-37

  Query Match             99.1%;  Score 3303.4;  DB 9;  Length 3501;
  Best Local Similarity   99.6%;  Pred. No. 0;
  Matches 3321;  Conservative    0;  Mismatches   13;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          1 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         76 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 135

Qy         61 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGGGAAGAACTGAGAGGCGC 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Db        136 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGAGAAGAACTGAGAGGCGC 195

Qy        121 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        196 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 255

Qy        181 ACGGGACCGGAGCTTCACGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 240
              |||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        256 ACGGGACCGGAGCTTCATGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 315

Qy        241 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        316 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 375

Qy        301 CTGCCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 360
              ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        376 CTGTCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 435

Qy        361 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        436 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 495
```

```
Qy        421 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        496 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 555

Qy        481 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        556 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 615

Qy        541 CGGGGCGACTACATCGCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 600
              ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        616 CGGGGCGACTACATCGCCTCCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 675

Qy        601 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        676 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 735

Qy        661 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        736 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 795

Qy        721 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        796 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 855

Qy        781 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        856 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 915

Qy        841 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        916 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 975

Qy        901 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        976 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 1035

Qy        961 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1036 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1095

Qy       1021 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1096 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1155

Qy       1081 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1156 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1215

Qy       1141 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1216 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1275

Qy       1201 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1276 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1335

Qy       1261 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1336 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1395

Qy       1321 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1396 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1455

Qy       1381 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1456 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1515

Qy       1441 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1516 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1575

Qy       1501 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1576 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1635

Qy       1561 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1636 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1695

Qy       1621 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1696 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1755

Qy       1681 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1756 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1815

Qy       1741 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1816 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1875

Qy       1801 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1876 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1935

Qy       1861 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1936 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1995

Qy       1921 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1996 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 2055

Qy       1981 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2056 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2115

Qy       2041 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2116 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2175

Qy       2101 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2176 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2235

Qy       2161 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2236 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2295

Qy       2221 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2355

Qy       2281 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2356 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2415

Qy       2341 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2416 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2475

Qy       2401 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2476 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2535

Qy       2461 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2536 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2595

Qy       2521 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2596 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2655

Qy       2581 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2640
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2656 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2715

Qy     2641 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGAAGACTACTTACGTG 2700
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db     2716 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGANGACTACTTACGTG 2775

Qy     2701 TGGCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2760
            || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2776 TGNCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2835

Qy     2761 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2820
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2836 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2895

Qy     2821 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2880
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2896 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2955

Qy     2881 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 2940
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2956 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 3015

Qy     2941 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAA-TCACTC 2999
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||| 
Db     3016 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAAGTCACTT 3075

Qy     3000 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3059
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3076 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3135

Qy     3060 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3119
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3136 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3195

Qy     3120 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3179
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3196 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3255

Qy     3180 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3239
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3256 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3315

Qy     3240 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3299
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3316 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3375

Qy     3300 ACACTTTGTTTGTAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAA 3334
            ||| ||| |||  |||  |||||||||||||||||
Db     3376 ACATTTTTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 3410

RESULT 10
US-10-142-431-37
; Sequence 37, Application US/10142431
; Publication No. US20030036179A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Baker,Kevin P.
;  APPLICANT:  Beresini,Maureen
;  APPLICANT:  DeForge,Laura
;  APPLICANT:  Desnoyers,Luc
;  APPLICANT:  Filvaroff,Ellen
;  APPLICANT:  Gao,Wei-Qiang
;  APPLICANT:  Gerritsen,Mary E.
;  APPLICANT:  Goddard,Audrey
;  APPLICANT:  Godowski,Paul J.
;  APPLICANT:  Gurney,Austin L.
;  APPLICANT:  Sherwood,Steven
;  APPLICANT:  Smith,Victoria
;  APPLICANT:  Stewart,Timothy A.
;  APPLICANT:  Tumas,Daniel
;  APPLICANT:  Watanabe,Colin K
;  APPLICANT:  Wood,William
```

```
;  APPLICANT:  Zhang, Zemin
;  TITLE OF INVENTION: SECRETED AND TRANSMEMBRANE POLYPEPTIDES AND NUCLEIC
;  TITLE OF INVENTION:  ACIDS ENCODING THE SAME
;  FILE REFERENCE: P3330R1C251
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/142,431
;  CURRENT FILING DATE:  2002-05-10
;  Prior Application removed - See File Wrapper or Palm
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 550
; SEQ ID NO 37
;   LENGTH: 3501
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapien
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: unsure
;   LOCATION: 2762, 2778
;   OTHER INFORMATION: unknown base
US-10-142-431-37

  Query Match             99.1%;  Score 3303.4;  DB 9;  Length 3501;
  Best Local Similarity   99.6%;  Pred. No. 0;
  Matches 3321;  Conservative    0;  Mismatches   13;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy        1 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       76 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 135

Qy       61 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGGGAAGAACTGAGAGGCGC 120
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Db      136 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGAGAAGAACTGAGAGGCGC 195

Qy      121 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      196 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 255

Qy      181 ACGGGACCGGAGCTTCACGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 240
            ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      256 ACGGGACCGGAGCTTCATGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 315

Qy      241 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      316 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 375

Qy      301 CTGCCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 360
            ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      376 CTGTCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 435

Qy      361 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      436 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 495

Qy      421 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      496 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 555

Qy      481 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      556 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 615

Qy      541 CGGGGCGACTACATCGCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 600
            ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      616 CGGGGCGACTACATCGCCTCCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 675

Qy      601 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      676 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 735

Qy      661 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      736 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 795

Qy      721 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      796 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 855
```

```
Qy    781 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    856 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 915

Qy    841 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    916 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 975

Qy    901 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    976 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 1035

Qy    961 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1036 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1095

Qy   1021 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1096 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1155

Qy   1081 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1156 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1215

Qy   1141 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1216 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1275

Qy   1201 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1276 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1335

Qy   1261 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1336 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1395

Qy   1321 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1396 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1455

Qy   1381 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1456 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1515

Qy   1441 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1516 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1575

Qy   1501 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1576 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1635

Qy   1561 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1636 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1695

Qy   1621 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1696 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1755

Qy   1681 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1756 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1815

Qy   1741 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1816 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1875

Qy   1801 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1876 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1935

Qy   1861 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1936 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1995

Qy   1921 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1996 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 2055

Qy   1981 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2056 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2115

Qy   2041 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2116 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2175

Qy   2101 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2176 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2235

Qy   2161 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2236 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2295

Qy   2221 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2355

Qy   2281 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2356 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2415

Qy   2341 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2416 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2475

Qy   2401 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2476 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2535

Qy   2461 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2536 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2595

Qy   2521 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2596 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2655

Qy   2581 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2656 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2715

Qy   2641 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGAAGACTACTTACGTG 2700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db   2716 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGANGACTACTTACGTG 2775

Qy   2701 TGGCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2760
          || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2776 TGNCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2835

Qy   2761 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2836 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2895

Qy   2821 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2896 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2955

Qy   2881 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2956 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 3015

Qy   2941 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAA-TCACTC 2999
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Db     3016 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAAGTCACTT 3075

Qy     3000 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3059
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3076 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3135

Qy     3060 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3119
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3136 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3195

Qy     3120 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3179
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3196 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3255

Qy     3180 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3239
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3256 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3315

Qy     3240 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3299
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3316 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3375

Qy     3300 ACACTTTGTTTGTAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAA 3334
            ||| ||| |||  |||  |||||||||||||||||
Db     3376 ACATTTTTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 3410


RESULT 11
US-10-143-114-37
; Sequence 37, Application US/10143114
; Publication No. US20030036180A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Baker,Kevin P.
;  APPLICANT:  Beresini,Maureen
;  APPLICANT:  DeForge,Laura
;  APPLICANT:  Desnoyers,Luc
;  APPLICANT:  Filvaroff,Ellen
;  APPLICANT:  Gao,Wei-Qiang
;  APPLICANT:  Gerritsen,Mary E.
;  APPLICANT:  Goddard,Audrey
;  APPLICANT:  Godowski,Paul J.
;  APPLICANT:  Gurney,Austin L.
;  APPLICANT:  Sherwood,Steven
;  APPLICANT:  Smith,Victoria
;  APPLICANT:  Stewart,Timothy A.
;  APPLICANT:  Tumas,Daniel
;  APPLICANT:  Watanabe,Colin K
;  APPLICANT:  Wood,William
;  APPLICANT:  Zhang, Zemin
;  TITLE OF INVENTION: SECRETED AND TRANSMEMBRANE POLYPEPTIDES AND NUCLEIC
;  TITLE OF INVENTION:  ACIDS ENCODING THE SAME
;  FILE REFERENCE: P3330R1C211
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/143,114
;  CURRENT FILING DATE:  2002-05-09
;  Prior Application removed - See Palm or File Wrapper
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 550
; SEQ ID NO 37
;   LENGTH: 3501
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapien
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: unsure
;   LOCATION: 2762, 2778
;   OTHER INFORMATION: unknown base
US-10-143-114-37

  Query Match             99.1%;  Score 3303.4;  DB 9;  Length 3501;
  Best Local Similarity   99.6%;  Pred. No. 0;
  Matches 3321;  Conservative    0;  Mismatches   13;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy        1 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       76 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 135

Qy       61 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGGGAAGAACTGAGAGGCGC 120
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Db      136 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGAGAAGAACTGAGAGGCGC 195

Qy      121 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      196 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 255

Qy      181 ACGGGACCGGAGCTTCACGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 240
            |||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      256 ACGGGACCGGAGCTTCATGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 315

Qy      241 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      316 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 375

Qy      301 CTGCCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 360
            ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      376 CTGTCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 435

Qy      361 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      436 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 495

Qy      421 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      496 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 555

Qy      481 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      556 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 615

Qy      541 CGGGGCGACTACATCGCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 600
            ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      616 CGGGGCGACTACATCGCCTCCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 675

Qy      601 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      676 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 735

Qy      661 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      736 TTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 795

Qy      721 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      796 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 855

Qy      781 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      856 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 915

Qy      841 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      916 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 975

Qy      901 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      976 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 1035

Qy      961 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1036 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1095

Qy     1021 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1096 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1155

Qy     1081 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1156 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1215
```

```
Qy   1141 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1216 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1275

Qy   1201 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1276 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1335

Qy   1261 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1336 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1395

Qy   1321 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1396 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1455

Qy   1381 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1456 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1515

Qy   1441 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1516 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1575

Qy   1501 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1576 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1635

Qy   1561 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1636 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1695

Qy   1621 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1696 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1755

Qy   1681 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1756 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1815

Qy   1741 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1816 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1875

Qy   1801 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1876 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1935

Qy   1861 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1936 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1995

Qy   1921 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1996 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 2055

Qy   1981 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2056 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2115

Qy   2041 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2116 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2175

Qy   2101 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2176 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2235

Qy   2161 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2236 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2295
```

```
Qy   2221 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2355

Qy   2281 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2356 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2415

Qy   2341 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2416 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2475

Qy   2401 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2476 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2535

Qy   2461 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2536 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2595

Qy   2521 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2596 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2655

Qy   2581 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2656 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2715

Qy   2641 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGAAGACTACTTACGTG 2700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db   2716 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGANGACTACTTACGTG 2775

Qy   2701 TGGCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2760
          || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2776 TGNCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2835

Qy   2761 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2836 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2895

Qy   2821 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2896 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2955

Qy   2881 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2956 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 3015

Qy   2941 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAA-TCACTC 2999
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Db   3016 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAAGTCACTT 3075

Qy   3000 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3059
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3076 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3135

Qy   3060 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3119
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3136 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3195

Qy   3120 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3179
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3196 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3255

Qy   3180 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3239
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3256 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3315

Qy   3240 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3299
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3316 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3375

Qy   3300 ACACTTTGTTTGTAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAA 3334
```

```
          ||| ||| |||  |||  |||||||||||||||||
Db   3376 ACATTTTTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 3410


RESULT 12
US-10-140-002-37
; Sequence 37, Application US/10140002
; Publication No. US20030037623A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Baker,Kevin P.
;  APPLICANT:  Beresini,Maureen
;  APPLICANT:  DeForge,Laura
;  APPLICANT:  Desnoyers,Luc
;  APPLICANT:  Filvaroff,Ellen
;  APPLICANT:  Gao,Wei-Qiang
;  APPLICANT:  Gerritsen,Mary E.
;  APPLICANT:  Goddard,Audrey
;  APPLICANT:  Godowski,Paul J.
;  APPLICANT:  Gurney,Austin L.
;  APPLICANT:  Sherwood,Steven
;  APPLICANT:  Smith,Victoria
;  APPLICANT:  Stewart,Timothy A.
;  APPLICANT:  Tumas,Daniel
;  APPLICANT:  Watanabe,Colin K
;  APPLICANT:  Wood,William
;  APPLICANT:  Zhang, Zemin
;  TITLE OF INVENTION: SECRETED AND TRANSMEMBRANE POLYPEPTIDES AND NUCLEIC
;  TITLE OF INVENTION:  ACIDS ENCODING THE SAME
;  FILE REFERENCE: P3330R1C59
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/140,002
;  CURRENT FILING DATE:  2002-05-06
;  Prior Application removed - See Palm or File Wrapper
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 550
; SEQ ID NO 37
;   LENGTH: 3501
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo Sapien
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: unsure
;   LOCATION: 2762, 2778
;   OTHER INFORMATION: unknown base
US-10-140-002-37

  Query Match             99.1%;  Score 3303.4;  DB 9;  Length 3501;
  Best Local Similarity   99.6%;  Pred. No. 0;
  Matches 3321;  Conservative    0;  Mismatches   13;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy      1 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     76 GCAGAAGCAGCAGCCGCAGCACCTGAGCCGCTACTGCCGCTCACTCAGGACAACGCTATG 135

Qy     61 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGGGAAGAACTGAGAGGCGC 120
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Db    136 GCTGAGCCTGGGCACAGCCACCATCTCTCCGCCAGAGTCAGGAGAAGAACTGAGAGGCGC 195

Qy    121 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    196 ATACCCCGGCTGTGGCGGCTGCTGCTCTGGGCTGGGACCGCCTTCCAGGTGACCCAGGGA 255

Qy    181 ACGGACCGGAGCTTCACGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 240
          |||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    256 ACGGACCGGAGCTTCATGCCTGCAAAGAGTCTGAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGT 315

Qy    241 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    316 GACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTGCCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGC 375

Qy    301 CTGCCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 360
          ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    376 CTGTCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCCTTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTG 435

Qy    361 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    436 GATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCTGAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGC 495

Qy    421 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    496 ATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCATGGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATG 555

Qy    481 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    556 GAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCACCGGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCC 615

Qy    541 CGGGGCGACTACATCGCCTTCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 600
          ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    616 CGGGGCGACTACATCGCCTCCAACACGGACGAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTC 675

Qy    601 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    676 AACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTCGAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATC 735

Qy    661 TTTGAGTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    736 TTTGAGTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGCCAGCCCAATGCAGATGACTCCAGGTGGATG 795

Qy    721 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    796 AAGACCACAGAGAAAGGATGGGAATTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTC 855

Qy    781 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    856 CTCTATTGGAGAACCACAGCCTTCTCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTG 915

Qy    841 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    916 AGAAACATTGCCATAACAGGGGTGGCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGC 975

Qy    901 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    976 ACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCCTCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCA 1035

Qy    961 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1036 AATAAAGGAGAAACTTCTTGCCACCAGTGTGACCCTGACAAATACTCAGAGAAAGGATCT 1095

Qy   1021 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1096 TCTTCCTGTAACGTGCGCCCAGCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCC 1155

Qy   1081 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1156 TGCGATGCCAACGGAGAGACACAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGC 1215

Qy   1141 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1216 GAGGACCTTGAGGGGGCAGTGAAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCC 1275

Qy   1201 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1276 TGCAACCCAGGCTTCTTCAAAACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCC 1335

Qy   1261 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1336 TACTCCAATGGCTCAGACTGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTT 1395

Qy   1321 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1396 GAATACAAATGGTGGAACACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATC 1455

Qy   1381 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1456 AACTTCGAGTACAAGGGCATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCT 1515

Qy   1441 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1516 GCTGGAGCCTCAGACAATGACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCT 1575
```

```
Qy   1501 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1576 CCGCAGTCGGTGATGGCAGACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTT 1635

Qy   1561 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1636 GAGACCCTCTGTTCTGTGAACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACC 1695

Qy   1621 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1696 AACACTCCTGTGGAGACGTGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATT 1755

Qy   1681 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1756 GAGGAGAACACTACCACGAGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCA 1815

Qy   1741 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1816 AGCAGGAAGTACACCAATGACGTTGCCAAGATCTACTCCATCAATGTCACCAATGTTATG 1875

Qy   1801 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1876 AATGGCGTGGCCTCCTACTGCCGTCCCTGTGCCCTAGAAGCCTCTGATGTGGGCTCCTCC 1935

Qy   1861 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1936 TGCACCTCTTGTCCTGCTGGTTACTATATTGACCGAGATTCAGGAACCTGCCACTCCTGC 1995

Qy   1921 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1996 CCCCCTAACACAATTCTGAAAGCCCACCAGCCTTATGGTGTCCAGGCCTGTGTGCCCTGT 2055

Qy   1981 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2056 GGTCCAGGGACCAAGAACAACAAGATCCACTCTCTGTGCTACAATGATTGCACCTTCTCA 2115

Qy   2041 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2116 CGCAACACTCCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGCAAACACCGTCACT 2175

Qy   2101 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2176 CTTGCTGGAGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTC 2235

Qy   2161 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2236 AGTCTCTGTGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTC 2295

Qy   2221 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2296 CGGATTCCTGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCA 2355

Qy   2281 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2356 GTCATCATCCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGC 2415

Qy   2341 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2416 CTTGCTGATCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCA 2475

Qy   2401 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2476 GCTGAACTTTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCC 2535

Qy   2461 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2536 AATGATGTGACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGT 2595

Qy   2521 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2596 CCACAGAAAACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGT 2655

Qy   2581 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2656 GATGGCTGCAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTG 2715

Qy   2641 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGAAGACTACTTACGTG 2700
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db   2716 GCTGACTACCATGCTATCGTCAGCAGCTGTGTGGCTGGGATCCAGANGACTACTTACGTG 2775

Qy   2701 TGGCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2760
          || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2776 TGNCGAGAACCCAAGCTATGCTCTGGTGGCATTTCTCTGCCTGAGCAGAGAGTCACCATC 2835

Qy   2761 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2836 TGCAAAACCATAGATTTCTGGCTGAAAGTGGGCATCTCTGCAGGCACCTGTACTGCCATC 2895

Qy   2821 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2896 CTGCTCACCGTCTTGACCTGCTACTTTTGGAAAAAGAATCAAAAACTAGAGTACAAGTAC 2955

Qy   2881 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2956 TCCAAGCTGGTGATGAATGCTACTCTCAAGGACTGTGACCTGCCAGCAGCTGACAGCTGC 3015

Qy   2941 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAA-TCACTC 2999
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Db   3016 GCCATCATGGAAGGCGAGGATGTAGAGGACGACCTCATCTTTACCAGCAAGAAGTCACTT 3075

Qy   3000 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3059
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3076 TTTGGGAAGATCAAATCATTTACCTCCAAGAGGACTCCTGATGGATTTGACTCAGTGCCG 3135

Qy   3060 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3119
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3136 CTGAAGACATCCTCAGGAGGCCCAGACATGGACCTGTGAGAGGCACTGCCTGCCTCACCT 3195

Qy   3120 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3179
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3196 GCCTCCTCACCTTGCATAGCACCTTTGCAAGCCTGCGGCGATTTGGGTGCCAGCATCCTG 3255

Qy   3180 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3239
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3256 CAACACCCACTGCTGGAAATCTCTTCATTGTGGCCTTATCAGATGTTTGAATTTCAGATC 3315

Qy   3240 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3299
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3316 TTTTTTTATAGAGTACCCAAACCCTCCTTTCTGCTTGCCTCAAACCTGCCAAATATACCC 3375

Qy   3300 ACACTTTGTTTGTAAATTAAAAAAAAAAAAAAAAA 3334
          ||| ||| |||  |||  |||||||||||||||||
Db   3376 ACATTTTTTTTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 3410


RESULT 13
US-09-925-299-209
; Sequence 209, Application US/09925299
; Publication No. US20030040617A9
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Rosen et al.
;  TITLE OF INVENTION: Nucleic Acids, Proteins and Antibodies
;  FILE REFERENCE: PA102
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/925,299
;  CURRENT FILING DATE:  2001-08-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/US00/05883
;  PRIOR FILING DATE: 2000-03-08
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/124,270
;  PRIOR FILING DATE: 1999-03-12
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 1556
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 209
;   LENGTH: 625
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
```

```
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1)
;   OTHER INFORMATION: n equals a,t,g, or c
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (10)
;   OTHER INFORMATION: n equals a,t,g, or c
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (25)
;   OTHER INFORMATION: n equals a,t,g, or c
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (26)
;   OTHER INFORMATION: n equals a,t,g, or c
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (600)
;   OTHER INFORMATION: n equals a,t,g, or c
US-09-925-299-209

  Query Match             16.5%;  Score 551;  DB 9;  Length 625;
  Best Local Similarity   97.1%;  Pred. No. 1.2e-153;
  Matches  596;  Conservative    5;  Mismatches    8;  Indels    5;  Gaps    4;

Qy   2050 CCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTT-GGCAAACACCGTCACTCTTGCTGG 2108
          ||||||   |  ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Db     15 CCAACCTTCANNTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGGCAAACACCGTCACTCTTGCTGG 74

Qy   2109 AGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTCAGTCTCTG 2168
          |||  ||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     75 AGG--CAAGCTTCA-TTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTCAGTCTCTG 131

Qy   2169 TGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTCCGGATTCC 2228
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    132 TGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTCCGGATTCC 191

Qy   2229 TGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCAGTCATCAT 2288
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    192 TGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCAGTCATCAT 251

Qy   2289 CCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGCCTTGCTGA 2348
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    252 CCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGCCTTGCTGA 311

Qy   2349 TCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCAGCTGAACT 2408
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    312 TCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCAGCTGAACT 371

Qy   2409 TTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCCAATGATGT 2468
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    372 TTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCCAATGATGT 431

Qy   2469 GACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGTCCACAGAA 2528
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    432 GACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGTCCACAGAA 491

Qy   2529 AACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGTGATGGCTG 2588
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||||
Db    492 AACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGAMCTGTGATGGCTG 551

Qy   2589 CAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTGGCTGACTA 2648
          ||||||||||||||||||||| | :| :|:||:|||||||||||||||| ||||||||||
Db    552 CAACTTCCACTTCCTGTGGGAAAAMG-SGSTGSTTGCCCGCTCTGCTCANTGGCTGACTA 610

Qy   2649 CCATGCTATCGTCA 2662
          ||||||||||||||
Db    611 CCATGCTATCGTCA 624

RESULT 14
US-09-925-299-209
; Sequence 209, Application US/09925299
; Patent No. US20020055627A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Rosen et al.
;  TITLE OF INVENTION: Nucleic Acids, Proteins and Antibodies
;  FILE REFERENCE: PA102
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/925,299
;  CURRENT FILING DATE:  2001-08-10
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/US00/05883
;  PRIOR FILING DATE: 2000-03-08
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/124,270
;  PRIOR FILING DATE: 1999-03-12
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 1556
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 209
;   LENGTH: 625
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (1)
;   OTHER INFORMATION: n equals a,t,g, or c
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (10)
;   OTHER INFORMATION: n equals a,t,g, or c
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (25)
;   OTHER INFORMATION: n equals a,t,g, or c
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (26)
;   OTHER INFORMATION: n equals a,t,g, or c
;   NAME/KEY: misc_feature
;   LOCATION: (600)
;   OTHER INFORMATION: n equals a,t,g, or c
US-09-925-299-209

  Query Match             16.5%;  Score 551;  DB 10;  Length 625;
  Best Local Similarity   97.1%;  Pred. No. 1.2e-153;
  Matches  596;  Conservative    5;  Mismatches    8;  Indels    5;  Gaps    4;

Qy   2050 CCAACCAGGACTTTCAACTACAACTTCTCCGCTTT-GGCAAACACCGTCACTCTTGCTGG 2108
          ||||||   |  ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Db     15 CCAACCTTCANNTTCAACTACAACTTCTCCGCTTTGGGCAAACACCGTCACTCTTGCTGG 74

Qy   2109 AGGGCCAAGCTTCACTTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTCAGTCTCTG 2168
          |||  ||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     75 AGG--CAAGCTTCA-TTCCAAAGGGTTGAAATACTTCCATCACTTTACCCTCAGTCTCTG 131

Qy   2169 TGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTCCGGATTCC 2228
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    132 TGGAAACCAGGGTAGGAAAATGTCTGTGTGCACCGACAATGTCACTGACCTCCGGATTCC 191

Qy   2229 TGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCAGTCATCAT 2288
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    192 TGAGGGTGAGTCAGGGTTCTCCAAATCTATCACAGCCTACGTCTGCCAGGCAGTCATCAT 251

Qy   2289 CCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGCCTTGCTGA 2348
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    252 CCCCCCAGAGGTGACAGGCTACAAGGCCGGGGTTTCCTCACAGCCTGTCAGCCTTGCTGA 311

Qy   2349 TCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCAGCTGAACT 2408
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    312 TCGACTTATTGGGGTGACAACAGATATGACTCTGGATGGAATCACCTCCCCAGCTGAACT 371

Qy   2409 TTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCCAATGATGT 2468
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    372 TTTCCACCTGGAGTCCTTGGGAATACCGGACGTGATCTTCTTTTATAGGTCCAATGATGT 431

Qy   2469 GACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGTCCACAGAA 2528
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    432 GACCCAGTCCTGCAGTTCTGGGAGATCAACCACCATCCGCGTCAGGTGCAGTCCACAGAA 491

Qy   2529 AACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGACCTGTGATGGCTG 2588
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||||
Db    492 AACTGTCCCTGGAAGTTTGCTGCTGCCAGGAACGTGCTCAGATGGGAMCTGTGATGGCTG 551

Qy   2589 CAACTTCCACTTCCTGTGGGAGAGCGCGGCTGCTTGCCCGCTCTGCTCAGTGGCTGACTA 2648
```

```
           ||||||||||||||||||||| | :| :|:||:|||||||||||||||| ||||||||||
Db     552 CAACTTCCACTTCCTGTGGGAAAAMG-SGSTGSTTGCCCGCTCTGCTCANTGGCTGACTA 610

Qy    2649 CCATGCTATCGTCA 2662
           ||||||||||||||
Db     611 CCATGCTATCGTCA 624


RESULT 15
US-10-002-050-19
; Sequence 19, Application US/10002050
; Publication No. US20030032095A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Shimkets, Richard
;  APPLICANT:  Fernandes, Elma
;  APPLICANT:  Vernet, Corine
;  APPLICANT:  Yang, Meijia
;  APPLICANT:  Boldog, Ferenc
;  APPLICANT:  Herrmann, John
;  TITLE OF INVENTION: No. US20030032095Alel Nucleic Acid Sequences Encoding Human Semap
;  FILE REFERENCE: 15966-554 Cura-54 CON-S14
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/002,050
;  CURRENT FILING DATE:  2001-11-02
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/604,286
;  PRIOR FILING DATE: 2000-06-22
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/140,584
;  PRIOR FILING DATE: 1999-06-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 49
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 19
;   LENGTH: 1737
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (296)..(1687)
;   NAME/KEY: variation
;   LOCATION: (1)..(1737)
;   OTHER INFORMATION: N may be any nucleotide
US-10-002-050-19

  Query Match             16.1%;  Score 537.6;  DB 9;  Length 1737;
  Best Local Similarity   62.0%;  Pred. No. 2.3e-149;
  Matches  957;  Conservative    0;  Mismatches  569;  Indels   18;  Gaps    6;

Qy     214 GAGTACCACTATGAGTACACGGCGTGTGACAGCACGGGTTCCAGGTGGAGGGTCGCCGTG 273
           || || |||| ||| || ||||  ||||| ||||  || ||||||||||| || ||| |
Db     146 GATTATCACTTTGAATATACGGAATGTGATAGCAGTGGCTCCAGGTGGAGAGTTGCCATT 205

Qy     274 CCGCATACCCCGGGCCTGTGCACCAGCCTGCCTGACCCCGTCAAGGGCACCGAGTGCTCC 333
           ||  || |  | |     ||| |  ||||||||||||| || |  ||||  || ||| |
Db     206 CCAAATTCTGCAGTGGACTGCTCTGGCCTGCCTGACCCAGTGAGAGGCAAAGAATGCACT 265

Qy     334 TTCTCCTGCAACGCCGGGGAGTTTCTGGATATGAAGGACCAGTCATGTAAGCCATGCGCT 393
           ||||||||     | || |||| ||| || |||||| |||||  ||| |     || | |
Db     266 TTCTCCTGTGCTTCTGGAGAGTATCTAGAAATGAAGAACCAGGTATGCAGTAAGTGTGGT 325

Qy     394 GAGGGCCGCTACTCCCTCGGCACAGGCATTCGGTTTGATGAGTGGGATGAGCTGCCCCAT 453
           || |||  ||| ||| | ||||  |||||    |||||||| ||||||||  ||||
Db     326 GAAGGCACCTATTCCTTGGGCAGTGGCATCAAATTTGATGAATGGGATGAATTGCCGGCA 385

Qy     454 GGCTTTGCCAGCCTCTCAGCCAACATGGAGCTGGATGACAGTGCTGCTGAGTCCA---CC 510
           || ||| | | | || || |   ||||||    |  |   |  || ||||   ||   |
Db     386 GGATTTTCTAACATCGCAACATTCATGGACACTGTGGTGGGCCCTTCTGACAGCAGGCCA 445

Qy     511 GGGAACTGTACTTCGTCCAAGTGGGTTCCCCGGGGCGACTACATCGCCTTCAACACGGAC 570
           |    |||||     ||    ||| | || || ||  ||||||| |  |  ||    ||
Db     446 GACGGCTGTAACAACTCTTCTTGGATCCCTCGTGGAAACTACATAGAATCTAATCGTGAT 505

Qy     571 GAATGCACAGCCACACTGATGTACGCCGTCAACCTGAAGCAATCTGGCACCGTTAACTTC 630
           || ||||| |   |  |||| || || ||  |||| ||| | || |||   ||   |||
Db     506 GACTGCACGGTGTCTTTGATCTATGCTGTGCACCTTAAGAAGTCAGGCTATGTCTTCTTT 565

Qy     631 GAATACTACTATCCAGACTCCAGCATCATCTTTGAGTTTTTCGTTCAGAATGACCAGTGC 690
           || ||| | |||   |||  || |||| |||||||||| ||  |||| ||||| ||||||
Db     566 GAGTACCAGTATGTCGACAACAACATCTTCTTTGAGTTCTTTATTCAAAATGATCAGTGC 625

Qy     691 CAGCCCAATGCAGATGACTC---CAGGTGGATGAAGACCACAGAGAA---AGGATGGGAA 744
           |||   |  |       | |   || |||| | ||    ||||| ||   || |||||
Db     626 CAGGAGATGGACACCACCACTGACAAGTGGGTAAAACTTACAGACAATGGAGAATGGGGC 685

Qy     745 TTCCACAGTGTGGAGCTAAATCGAGGCAATAATGTCCTCTATTGGAGAACCACAGCCTTC 804
           |  ||   |||   ||| ||   |||||  ||  | ||||| |||||||| |||| | ||
Db     686 TCTCATTCTGTAATGCTGAAATCAGGCACAAACATACTCTACTGGAGAACTACAGGCATC 745

Qy     805 TCAGTATGGACCAAAGTACCCAAGCCTGTGCTGGTGAGAAACATTGCCATAACAGGGGTG 864
               |  |  | || |    ||||||||||||||| | ||| ||  | ||   |||||||
Db     746 CTTATGGGTTCTAAGGCGGTCAAGCCTGTGCTGGTAAAAAATATCACAATTGAAGGGGTG 805

Qy     865 GCCTACACTTCAGAATGCTTCCCCTGCAAACCTGGCACGTATGCAGACAAGCAGGGCTCC 924
           || ||||| |||||||| || || ||||| || ||||| |      |||| |  || ||
Db     806 GCGTACACATCAGAATGTTTTCCTTGCAAGCCAGGCACATTCAGCAACAAACCAGGTTCA 865

Qy     925 TCTTTCTGCAAACTTTGCCCAGCCAACTCTTATTCAAATAAAGGAGAAACTTCTTGCCAC 984
           |    |||| |  | || ||    ||| | |||||  | |||||||  |     ||
Db     866 TTCAACTGCCAGGTGTGTCCCAGAAACACCTATTCTGAGAAAGGAGCCAAAGAATGTATA 925

Qy     985 CAGTGTGACCCTGACA---AATACTCAGAGAAAGGATCTTCTTCCTGTAACGTGCGCCCA 1041
             |||| |    |||    |||  |||||| |||||||   |   ||||  | ||||||
Db     926 AGGTGTAAAGACGACTCTCAATTTTCAGAGGAAGGATCCAGTGAGTGTACAGAGCGCCCT 985

Qy    1042 GCTTGCACAGACAAAGATTATTTCTACACACACACGGCCTGCGATGCCAACGGAGAGACA 1101
            | || ||    ||||| |||||| | |  || ||  | || ||||   | ||| |||||
Db     986 CCCTGTACCACAAAAGACTATTTCCAGATCCATACTCCATGTGATGAAGAAGGAAAGACA 1045

Qy    1102 CAACTCATGTACAAATGGGCCAAGCCGAAAATCTGTAGCGAGGACCTTGAGGGGGCAGTG 1161
           ||  | |||||||| |||    |||| ||||||||  | ||||| ||    |  ||  |
Db    1046 CAGATAATGTACAAGTGGATAGAGCCCAAAATCTGCCGGGAGGATCTCACAGATGCTATT 1105

Qy    1162 AAGCTGCCTGCCTCTGGTGTGAAGACCCACTGCCCACCCTGCAACCCAGGCTTCTTCAAA 1221
           |   ||||  | ||||| | |||||   | || || || |||||||| || || |  ||
Db    1106 AGATTGCCCCCTTCTGGAGAGAAGAAGGATTGTCCGCCTTGCAACCCTGGATTTTATAAC 1165

Qy    1222 ACCAACAACAGCACCTGCCAGCCCTGCCCATATGGTTCCTACTCCAATGG---CTCAGAC 1278
           |            | ||||| ||||| ||   |||  | |  ||  ||||   |  |||
Db    1166 AATGGATCATCTTCTTGCCATCCCTGTCCTCCTGGAACATTTTCAGATGGAACCAAAGAA 1225

Qy    1279 TGTACCCGCTGCCCTGCAGGGACTGAACCTGCTGTGGGATTTGAATACAAATGGTGGAAC 1338
           ||||  |  || || ||||| || || |||||  | || |||||||| |||||||||||
Db    1226 TGTAGACCATGTCCAGCAGGAACGGAGCCTGCACTTGGCTTTGAATATAAATGGTGGAAT 1285

Qy    1339 ACGCTGCCCACAAACATGGAAACGACCGTTCTCAGTGGGATCAACTTCGAGTACAAGGGC 1398
              || ||    |||||| ||||  ||    ||| ||     || |   ||| | | ||
Db    1286 GTCCTTCCTGGCAACATGAAAACTTCCTGCTTCAATGTTGGGAATTCAAAGTGCGATGGA 1345

Qy    1399 ATGACAGGCTGGGAGGTGGCTGGTGATCACATTTACACAGCTGCTGGAGCCTCAGACAAT 1458
           ||||  || |||||||||||||| ||||| ||  | |  |  |||||||  || ||||||
Db    1346 ATGAATGGTTGGGAGGTGGCTGGAGATCATATCCAGAGTGGGGCTGGAGGTTCTGACAAT 1405

Qy    1459 GACTTCATGATTCTCACTCTGGTTGTGCCAGGATTTAGACCTCCGCAGTCGGTGATGGCA 1518
           || | | ||||  | |   ||  | | |||||||||| ||| ||    ||  |||  | |
Db    1406 GATTACCTGATCTTAAACTTGCATATCCCAGGATTTAAACCACCAACATCTATGACTGGA 1465

Qy    1519 GACACAGAGAATAAAGAGGTGGCCAGAATCACATTTGTCTTTGAGACCCTCTGTTCTGTG 1578
           | |||   |  |   ||  | |  ||||| |||||||||||||||||||||||||| |
Db    1466 GCCAC---GGGTTCTGAACTAGGAAGAATAACATTTGTCTTTGAGACCCTCTGTTCAGCT 1522

Qy    1579 AACTGTGAGCTCTACTTCATGGTGGGTGTGAATTCTAGGACCAACACTCCTGTGGAGACG 1638
            ||||||   | ||||||||||||| | | |||   |  |  |  | |   || ||  ||
Db    1523 GACTGTGTTTTGTACTTCATGGTGGATATTAATAGAAAAAGTACAAATGTGGTAGAATCG 1582

Qy    1639 TGGAAAGGTTCCAAAGGCAAACAGTCCTATACCTACATCATTGAGGAGAACACTACCACG 1698
           |||   ||  ||||||  |||||  | || ||| | |||||     ||||  | ||
Db    1583 TGGGGTGGAACCAAAGAAAAACAAGCTTACACCCATATCATCTTCAAGAATGCAACTTTT 1642

Qy    1699 AGCTTCACCTGGGCCTTCCAGAGGACCACTTTTCATGAGGCAAG 1742
```

```
          |  || || |||| | | |  ||        |||| |   ||||
Db   1643 ACATTTACATGGGGCATTCCCAGAGAACTAATTCAGGGTCCAAG 1686

Search completed: March 11, 2003, 09:48:41
Job time : 169 secs
```